

Marlon Sousa

4 Followers About

Aplicações da Ciência da Computação na Bioengenharia



Marlon Sousa Nov 15, 2020 · 3 min read



https://www.colorado.edu/engineering/research/major-initiatives/bioengineering-biotechnology

Machine Learning

Machine Learning é o processo pelo qual uma máquina usa um conjunto de trinamentos de amostra para aprender (podendo ser supervisionado ou não supervisionado) e então generalizar os dados que recebe com base na experiência. O Machine Learning envolveria o desenvolvimento de um algoritmo de computador para reconhecer e interpretar a caligrafia de uma pessoa com base em um conjunto de amostras. Embora isso possa ser feito com relativa facilidade no cérebro humano, esta forma de inteligência artificial é muito difícil de programar em computadores. Uma solução seria a memorização de grandes quantidades de dados de treinamento na esperança de que todas as combinações possíveis de letras sejam



máquina é ir além dos meros dados e tirar conclusões gerais.



https://brasscom.org.br/wp-content/uploads/2020/03/1_c_fiB-YgbnMl6nntYGBMHQ.jpeg

Utilizando um Micro-Array de DNA

Com o surgimento de muitas tecnologias que permitem o estudo de organismos em um nível genômico levou à demanda por uma maneira eficiente de processar a enorme quantidade de informações recuperadas da criação de perfil de expressão. O objetivo é criar modelos razoavelmente precisos de genes, a fim de generalizar seus níveis individuais de expressão. A tecnologia de micro-array usa dados gerados por projetos de genoma para entender quais tipos de genes são expressos em uma determinada célula do organismo em um determinado momento e sob a influência de certas condições. Um micro-array consiste em uma lâmina de vidro na qual as moléculas de DNA são fixadas em locais fixos. Um micro-array particular pode conter dezenas de milhares de pontos. Gene diferente os níveis de expressão podem ser medidos comparando células expostas a diferentes condições. A tecnologia de um micro-array usa corantes fluorescentes para indicar a presença de mensageiro RNA. Os experimentos geram imagens coloridas que são enviadas para análise. Com base nas intensidades de fluorescência e cores de cada ponto



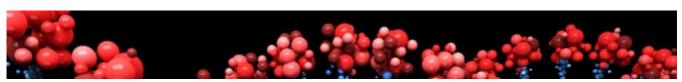
dimensionadas corretamente para tornar diferentes matrizes comparáveis.



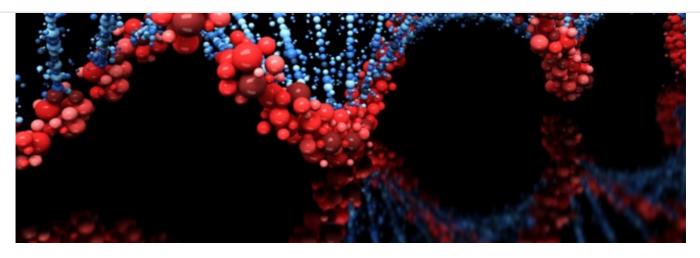
https://super.abril.com.br/wp-content/uploads/2019/02/site_letrasdnasintetico.png?w=1024

Computational genomics

O Lab Gifford do MIT está atualmente desenvolvendo algoritmos computacionais para analisar os resultados de pesquisa de micro-array. Seu objetivo é desenvolver um modelo 3-D de atividades celulares e função com base em diferentes níveis de expressão gênica. O laboratório está atualmente colaborando com o o Laboratório de Young no instituto Whitehead de Pesquisa Biomédica para desenvolver um estudo genético e um algoritmo de módulos reguladores que pode identificar coleções de genes que compartilham reguladores comuns e, portanto, perfis de expressão comuns. Existem entre 1.000 e 1.200 reguladores no corpo humano. No nível experimental, as células de levedura são expostas a várias condições estressantes, como ácido, calor, alta/baixa temperaturas, peróxido para determinar quais reguladores se ligariam a uma determinada proteína. Nos determinamos os fragmentos de ácido nucleico que estão ligados à proteína e, portanto usam o genoma para descobrir quais reguladores são obrigatórios.







https://www.healthcareit.com.au/sites/default/files/genomics_0.jpg

Desvantagens

Atualmente, o algoritmo GRAM deve tentar cada um dos 3x10° pares de bases no genoma humano para determinar qual deles melhor corresponde a probabilidade de dados. A correlação entre uma combinação específica de reguladores para genes expressos devem ser muito fortes para serem válidos. Então, o algoritmo é repetido muitas vezes para detectar genes com ligações cada vez maiores para combinações de genes reguladores particulares.

Machine Learning Biology Bioengineering

About Help Legal

Get the Medium app



